

# Predicción del compartimento productivo de híbridos sencillos de hembras de White Leghorn\*

A. J. GARCIA<sup>1</sup>, M. O. CASTRO<sup>2</sup> Y H. PEDROS<sup>2</sup> JUN. 1981

Instituto de Investigaciones Avícolas, Ciudad de La Habana.

El propósito de la presente ponencia es demostrar, con un ejemplo práctico, que cuando se conoce el comportamiento de alguno o algunos híbridos sencillos de un conjunto de  $n$  poblaciones en un carácter cuantitativo dado, se pueden estimar los valores de comportamiento esperados para cada uno de los restantes híbridos sencillos del total de  $n(n-1)/2$  combinaciones posibles de dos poblaciones, siempre que se conozcan los valores medios y las distancias genéticas entre las mismas.

Cuando se trata de un carácter de importancia económica que manifiesta heterosis, y el número de híbridos sencillos a comparar es superior al que puede estudiarse en las instalaciones de pruebas, justifica la estimación de las distancias genéticas entre las poblaciones con el fin de señalar aquellos híbridos con los mejores comportamientos esperados y recomendar la promoción de algunos al plano de escala comercial.

Aquí presentamos el resultado de estimar las distancias genéticas entre cada una de seis poblaciones de ponedoras White Leghorn (A, B, C, D, E, y F) de la Empresa Nacional de Genética Avícola. Estas poblaciones difirieron genéticamente entre sí con respecto a cuatro loci polimórficos electroforéticamente detectables ( $A_p$ ,  $Es-1$ ,  $G_2$  y  $G_3$ ) y de las mismas se conocía además la producción total de huevos en cinco meses de control promedio por ave, así como el dato de que el híbrido comercial DE pone 2.38 huevos/ave más que la media de las líneas parentales D y E y se deseaba hacer inferencias sobre el comportamiento de las restantes catorce combinaciones sencillas de poblaciones.

A continuación veremos el fundamento teórico de la predicción:

La composición del valor fenotípico de la  $F_1$  se puede representar usando la simbología de D. S. Falconer según la ecuación:

$$M_{F_1} = M_P + H_{F_1} \quad (1)$$

donde  $M_P$  es la media parental y  $H_{F_1}$  es el efecto de heterosis. Mientras que a su vez el efecto de heterosis se puede representar por:

$$H_{F_1} = d\gamma^2 \quad (2)$$

<sup>1</sup> Laboratorio de Inmunogenética Aviar, Cacahual, Ciudad de La Habana.

<sup>2</sup> Dpto. de Investigaciones Genéticas del Instituto de Investigaciones Avícolas. Calle 15 No. 853. Vedado. Ciudad de La Habana.

\* Ponencia presentada en la II Reunión de la Asociación Cubana de Producción Animal (ACPA) celebrada del 10 al 14 de abril de 1979 en La Habana.

donde  $d$  es el efecto de dominancia y  $y^2$  el cuadrado de las diferencias génicas por locus. Entonces denominamos  $d_i$  al efecto de dominación para el  $i$ -ésimo locus y despejando (2) se obtiene

$$d_i = H_{F_1} / y_i^2 \quad (3)$$

donde  $y_i^2$  es la distancia genética con respecto al  $i$ -ésimo locus. Se calcula entonces el fenotipo esperado para el  $i$ -ésimo locus sustituyendo en (1):

$$M_{F_1}(i) = M_P + d_i y_i^2 \quad (4)$$

La media de los valores de  $M_{F_1}$  para todos los loci asumiendo constante al efecto de dominancia para todos los híbridos del conjunto constituye el mejor estimado disponible del comportamiento fenotípico en la  $F_1$  y para el cálculo de errores se asume que los valores de  $M_{F_1}$  se distribuyen normalmente para todos los loci.

$$\frac{h}{\sum y_i^2} \quad (5)$$

Nótese que el valor medio de  $y^2$  para un número  $h$  de loci, es decir equivale al estimado mínimo de distancia genética de Nei y Roychoudhury ( $D_m$ ), por lo tanto (4) podría escribirse también como

$$M_{F_1} = M_P + d D_m \quad (6)$$

donde  $d$  es el efecto de dominancia promedio para todos los  $h$  loci estudiados. En la Tabla 1 se muestran los valores de distancia genética por locus así como los valores de  $d_i$  calculados en el híbrido comercial DE según la fórmula (3). Estos valores de  $d_i$  se asumen constantes para el resto de las catorce combinaciones sirviendo de base para todos los pronósticos que se muestran en la

TABLA 1

Efecto de dominancia por locus ( $d_i$ ) para la producción de huevos en cinco meses de control del híbrido DE.

Locus	$y_i^2$	$d_i = \frac{2.38 \text{ huevos/ave}}{y_i^2}$	
$G_2$	.029	82.1	
$G_3$	.011	216	
$Ap$	.016	149	
$Es-1$	.009	264	
$D_m = .016 \pm .012$		$d = 178 \pm 110$	

Tabla 2. En esta tabla se presentan las medias parentales de todas las quince combinaciones de poblaciones, los valores fenotípicos esperados así como el

TABLA 2

Producción de huevos esperada en cinco meses de control para cada uno de los quince cruzamientos posibles entre seis poblaciones de ponedoras White Leghorn

Pareja de Poblaciones	Media parental $M_P$ (huevos/ave)	Valor fenotípico $M_{F_1}$ (huevos/ave)	Coefficiente de variación
AB	115.5	119.6 $\pm$ 9.4	7.8
AC	111.0	112.5 $\pm$ 4.8	4.3
AD	109.5	115.0 $\pm$ 16	14
AE	118.5	128.2 $\pm$ 23	18
AF	111.5	117.5 $\pm$ 17	14
BC	109.5	114.9 $\pm$ 8.7	7.6
BD	108.5	108.8 $\pm$ .97	0.9
BE	117.0	120.6 $\pm$ 2.2	1.8
BF	110.0	133.1 $\pm$ 22	16
CD	103.5	104.9 $\pm$ 2.4	2.2
CE	112.5	115.3 $\pm$ 2.6	2.2
CF	105.5	108.9 $\pm$ 7.6	7.0
DE	111.0	113.4 $\pm$ .00	Valor Real
DF	104.0	112.8 $\pm$ 9.5	8.4
EF	113.0	114.7 $\pm$ 4.4	3.8

coeficiente de variación de cada uno de ellos. El orden de méritos de los comportamientos esperados no difirió significativamente ( $P < .05$ ) del orden de méritos de las medias parentales en la correlación de rangos, aunque se espera por heterosis un ligero incremento en la producción de huevos en algunos cruzamientos. El mayor incremento esperado se observa en los cruzamientos en los cuales participa la población B lo cual se explica porque en el análisis de varianza que se había realizado previamente con las distancias genéticas, la población B mostró una componente de distancia significativa ( $P < .05$ ) que indicaba una gran diferencia genética de la población B del resto de las poblaciones. Por otra parte, los coeficientes de variaciones nos muestran el grado de dispersión del pronóstico debido a la dispersión de las distancias por locus.

En la Tabla 2 se destaca el híbrido BE no solamente por tener uno de los tres valores de producción de huevos esperados más importantes sino por tratarse de uno de los dos que tienen menos dispersos los datos de distancia genética. Este híbrido esperamos que promedie unos  $120.6 \pm 2.2$  huevos/ave es decir unos 5-9 huevos/ave más que el híbrido comercial DE en cinco meses de control.

Como resultado de este estudio pudimos extraer las siguientes conclusiones:

- 1— Asumiendo una relación *lineal* entre el valor fenotípico en la  $F_1$  y la distancia genética, así como un efecto de dominancia *constante* para un conjunto de híbridos con un fondo genético común es posible hacer inferencias sobre el comportamiento en la  $F_1$  de todos los cruces desconocidos.

- 2— La precisión de los pronósticos depende principalmente del número de loci polimórficos muestrados. Cuatro loci no permiten hacer pronósticos precisos del orden de méritos esperados en comportamiento productivo.
- 3— Recomendamos particularmente que se pruebe el híbrido BE para el cual se espera una producción de huevos superior a la del híbrido DE que se explota comercialmente.
- 4— La metodología de predicción del comportamiento productivo en la  $F_1$  es particularmente útil cuando es muy difícil probar todos los cruces y/o las poblaciones están aisladas geográficamente.

Recibido en: 3-7-79